植 物 分 类 与 资 源 学 报 2012, **34** (6): 546～554
Plant Diversity and Resources DOI: 10.3724/SP.J.1143.2012.12142

从文献情报分析看 iFlora 的发展趋势*

杨 雅[1], 王雨华[1**], 杜 宁[1], 王春明[2]
(1 中国科学院昆明植物研究所科技信息中心, 云南 昆明 650201; 2 中国科学院成都文献情报中心, 四川 成都 610041)

摘要: 在网络化、信息化逐渐改变人们学习、认知和生活的背景下, 本文检索并分析了与 iFlora 研究相关的 DNA 条形码、生物多样性信息库、基因测序技术、移动鉴定设备等研究论文和情报, 取得下列结果: (1) 植物 DNA 条形码的研究对象以及研究领域在不断延伸和扩展, 但寻找高分辨率的 DNA 条码和组合片段仍是研究热点, 相关的植物分类学、系统发育与演化、生态学、植物多样性等研究也在快速发展; (2) 生物多样性信息数据库建设爆发式增长, 为 iFlora 的知识积累和扩展奠定了基础; (3) 第三代 DNA 测序技术的发展, 快速测序设备的小型化将成为可能; (4) 物种认知和识别的初级移动设备已经出现; (5) 信息技术与植物科学等研究的结合, 促进跨领域的研究合作和产品开发。本文讨论了 iFlora 研究计划, 表明其是未来植物多样性研究的发展趋势。

关键词: 文献计量分析; 植物 DNA 条形码; 数据库; 新一代植物志; 研究趋势
中图分类号: G 250.2, Q 948.2 **文献标识码**: A **文章编号**: 2095-0845(2012)06-546-09

Trends of iFlora by Literature and Information Analysis

YANG Ya[1], WANG Yu-Hua[1**], DU Ning[1], WANG Chun-Ming[2]
(1 *Science and Technology Information Center*, *Kunming Institute of Botany*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650201, China; 2 *Chengdu Branch of National Science Library*, *Chinese Academy of Sciences*, Chengdu 610041, China)

Abstract: Advances in networking and information technology are gradually changing our ways of learning, cognition and living. This paper employed the methods of bibliometry and retrieval to analyze research papers and information about DNA barcoding, biodiversity database, DNA sequencing technology and mobile identification devices which are related to iFlora research. The results indicate that: (1) The research field of plant DNA barcoding is expanding, but the exploration of a high-resolution DNA barcode and combinations of barcodes is still on the top of the agenda. And integrated studies of plant taxonomy, plant systematics and evolution, ecology, plant diversity etc. are constantly developing; (2) The explosive growth of biodiversity information databases provides the foundation for the accumulation and expansion of knowledge about iFlora; (3) The third-generation sequencing technology has emerged and rapidly developing. The miniaturization of sequencing equipment will soon become feasible; (4) Only a few experimental devices which can assist with the identification of plant species have appeared so far; (5) A cyberinfrastructure collaborative for the plant sciences promote interdisciplinary research and product development. Finally, the paper concludes with a discussion of the iFlora research plan and shows that it is an inevitable trend in future studies on plant diversity.

Key words: Bibliometry; Plant DNA barcoding; Database; iFlora; Research trends

* 基金项目: 中科院国家科学图书馆可持续服务能力建设子项目; 国家科技部科技基础工作专项项目; 国家高科技研究发展计划 (863 计划) (2012AA021801); 中国科学院大科学装置开放研究项目 (2009-LSFGBOWS-01)
** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: wangyuhua@mail.kib.ac.cn
收稿日期: 2012-11-05, 2012-11-09 接受发表
作者简介: 杨 雅 (1986-) 女, 硕士, 主要从事图书情报研究。E-mail: yangya@mail.kib.ac.cn

iFlora 是为植物学家、政府部门、行业和公众提供的便捷、准确识别植物的新一代“智能植物志”（李德铢等，2012）。它涉及多个学科复杂的研究问题和运行环境，需要跨学科情报资料的整合，才能够更好地体现相关研究的最新成果。本文综合运用文献情报分析的手段和方法，通过选定统计源，对与 iFlora 研究相关的 DNA 条形码、生物多样性信息库、基因测序技术、移动鉴定设备等研究论文和情报信息进行了统计分析和追踪，以期为 iFlora 的研制提供相关资料。

1　数据源与研究方法

本文检索了多个国内外数据库和相关研究机构、研究平台网站。文献信息主要来自于 Science Citation Index Expanded 数据库、Conference Proceedings Citation Index-Science 数据库、Current Chemical Reactions 数据库、China National Knowledge Infrastructure 数据库以及相关的 iPlant、GBIF、iBOL、eFlora 等研究机构和研究平台网站。检索时间为各数据库的起始时间到 2012 年 9 月 10 日，并利用 WOS 引文分析工具、Citespace 等文献情报分析的手段和方法对相关数据进行了文献数据挖掘和可视化分析。

2　iFlora 相关研究进展

2.1　植物 DNA 条码

2.1.1　*研究领域概况*　文献总量反映了一定时期内科学研究活动的绝对产出，是衡量科研活动的一个重要指示因子（Moed，2002）。通过 Science Citation Index Expanded 数据库，检索到整个 DNA 条形码研究领域发表了 2415 篇文献（截止 2012 年 9 月 10 日），其中植物 DNA 条形码相关文献有 490 篇。以 ISI 分类来看，相对植物 DNA 条形码，动物 DNA 条形码的研究开始更早，但植物 DNA 条形码研究从 2008 年起增速加快，成为研究热点之一（图 1）。

目前共有 64 个国家涉入植物 DNA 条形码研究领域，其中美国、加拿大等国家相关研究开始较早，中国的相关研究论文从 2008 年开始出现，但增速较快。目前发表文章较多的国家依次是美国（135 篇）、中国（85 篇）、加拿大（61 篇）、法国（49 篇）。参与研究的机构有 210 个，中国科学院虽然进入该领域时间较晚，但论文总量目前排在世界第一位，其次是加拿大圭尔夫大学、中国医学科学院药物研究院、美国史密森研究院。从研究论文影响力来看，被引用次数最高的文章是美国史密森研究院 John Kress 教授推荐的有花植物 DNA 条形码的文章（Kress 等，2005）。依据篇均被引用次数，美国（22.33）、加拿大（28.78）和新西兰（34.61）的研究论文受关注程度较高，中国的研究论文因为发表较晚，篇均被引用次数为 5.65，相对较低。在该领域影响力较高的机构是加拿大圭尔夫大学（45.19）和美国史密森研究院（32.16）。

DNA 条形码研究吸引了超过一千名科研人员的参与，研究论文产出最多的作者是中国医学科学院药物研究院陈士林（27 篇，篇均被引用次数为 10.23）。研究影响力最高的是美国史密森研究院 John Kress（篇均被引用次数达 78.15）和加拿大圭尔夫大学的 Paul Hebert（篇均被引用次数达 73.62）。刊载植物 DNA 条形码相关研究最多的期刊是《*PLoS ONE*》51 篇、《*MOLECULAR ECOLOGY RESOURCES*》38 篇、《*JOURNAL OF SYSTEMATICS AND EVOLUTION*》20 篇和《*PLANTA MEDICA*》19 篇。

2.1.2　*研究主题分析*　利用 Citespace 分析相关领域发表论文，得到植物 DNA 研究领域的高频关键词（表 1，图 2），可以看出植物 DNA 条形码的研究对象以及研究领域一直在不断延伸和扩展。

表 1　植物 DNA 条形码研究关键词变化统计表

Table 1　Keywords change statistics of plant DNA barcoding study

部分高频关键词（按出现频率排序）		
研究内容	植物类	条形码类
identification	land plants	*rbc*L
taxonomy	flowering plants	*mat*K
sequences	fungi	ITS
phylogeny	Fabaceae	*trn*H-*psb*A
evolution	tropical forests	*psb*A-*trn*H
diversity	ginseng	*trn*L-F
molecular systematics	ferns	*rpo*C1
biogeography	angiosperms	*rbc*L

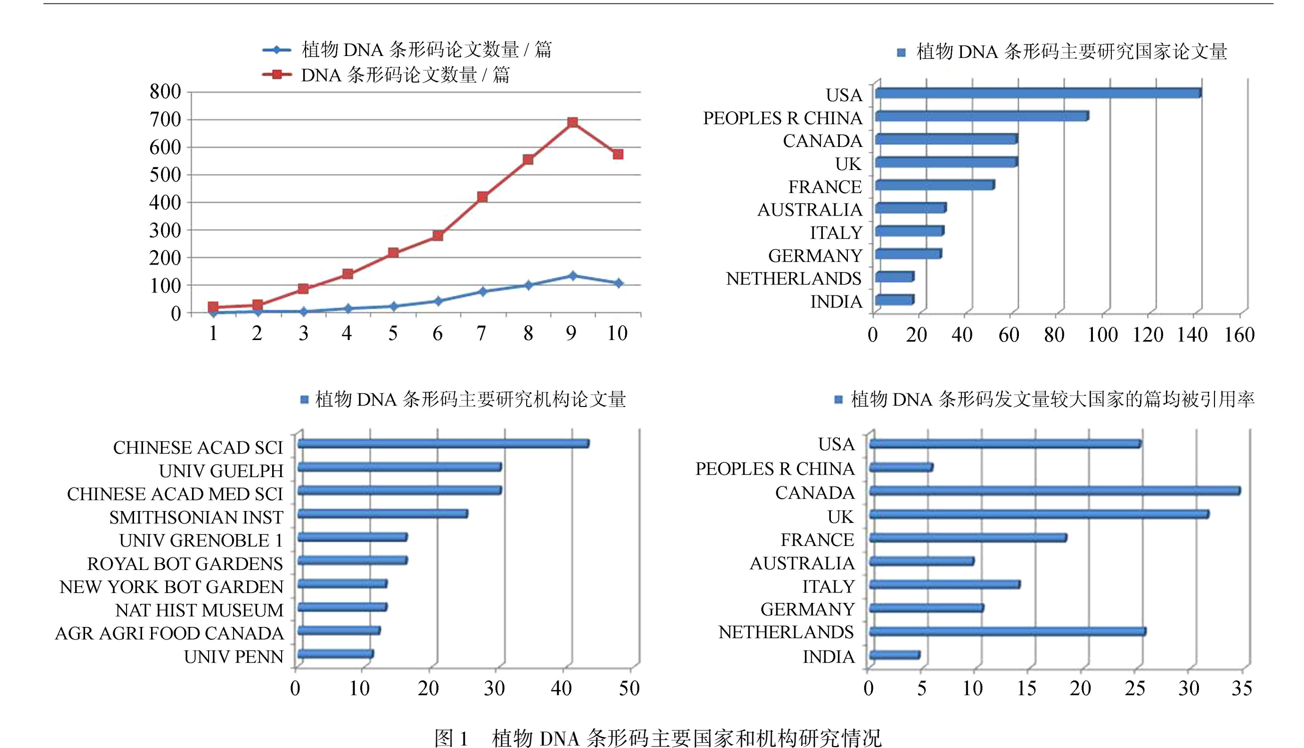


图1 植物 DNA 条形码主要国家和机构研究情况

Fig. 1 Major countries and institutions in plant DNA barcoding study

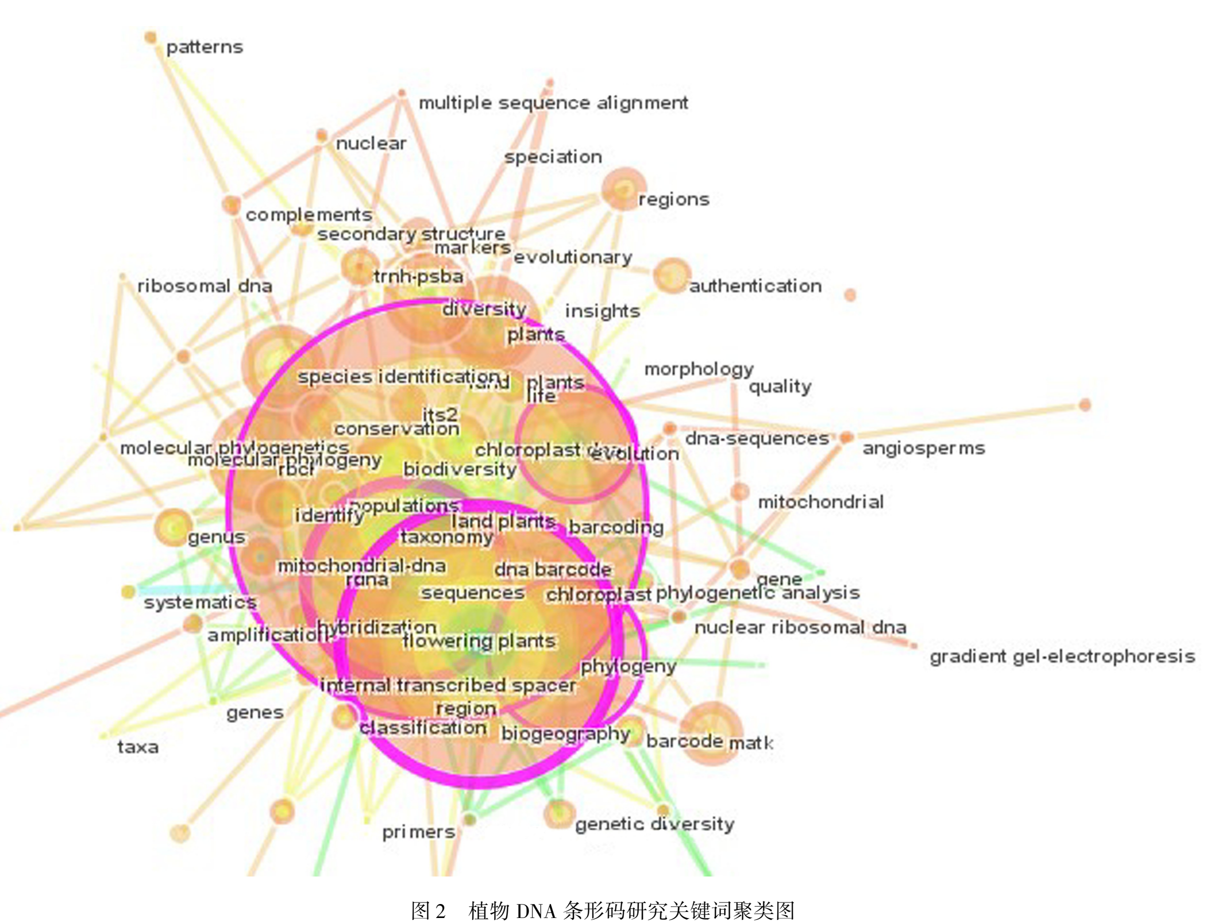


图2 植物 DNA 条形码研究关键词聚类图

Fig. 2 Index word clustering map of plant DNA barcoding study

在 DNA 条形码研究方面，2009 年 CBOL 植物工作组建议将 *rbc*L 和 *mat*K 作为陆地植物通用的条形码（CBOL Plant Working Group，2009）。叶绿体基因间隔区 *psb*A-*trn*H 和核基因片段 ITS 也被提议可以作为陆生植物的标准 DNA 条形码核心片段（Kress 等，2005；Hollingsworth 等，2011），但寻找高分辨率的 DNA 条码和组合片段仍是植物条形码研究的热点：（1）主要的单片段研究：*rbc*L 被大部分学者作为研究对象（129 篇），其次是 *mat*K（101 篇）、ITS（97 篇）和 *trn*H-*psb*A（79 篇）。近年来，大多数研究者都在不同物种中验证 4 个被广泛建议的 DNA 条形码的有效性。*rbc*L 和 *mat*K 作为核心条形码，受到的关注度最高。*rbc*L 具有通用性高、易扩增、易对比的特点，可以区分不同属物种，但在种的区分上效果不理想（Kress 和 Erickson，2007；Fazekas 等，2008；Bafeel 等，2012）。Kress 等（2007）采用 *mat*K 对 48 属 96 种植物的成功扩增率仅为 39.3%；Fazekas 等（2008）利用该片段对 92 种植物的正确识别率仅达到 56%，因此 *mat*K 通用性引物的设计和效果验证将是下一步工作重点（唐建阳等，2009）。近年来，*mat*K 通用引物在被子植物中验证了具有很好的适用性（Yu 等，2011），目前 *mat*K 也常用在遗传关系分析（Wang 等，2012）和系统发育研究方面（Liu 等，2012；Crawley 和 Hilu，2012）。ITS 作为 DNA 条形码鉴定物种的潜力得到了一些研究者的认可，ITS2 被提出可作为通用 DNA 条形码来鉴定植物和动物（Chen 等，2010；Yao 等，2010），近年来，针对其在药用植物方面的探讨相对较多。2012 年的文献中，ITS2 在鉴定唇形科药用植物（Han 等，2012）、五加科（Liu 等，2012）等药用植物上有很好的表现。根据对主要来自中国的种子植物的 4 个 DNA 候选条形码片段的综合分析，中国植物条形码研究团队（China Plant BOL Group）建议将 ITS 作为种子植物的核心 DNA 条形码（Li 等，2011）。*trn*H-*psb*A 间隔区是叶绿体基因进化速率较快的片段之一，并且易于设计引物（Shaw 等，2005），鉴于该片段在扩增成功率和物种识别率上的出色表现，建议 *trn*H-*psb*A 应作为条形码片段组合中重要的非编码区片段之一（Kress 和 Erickson，2007；Fazekas 等，2008；Chen 等，2010）。区分近缘及近期分化物种是 DNA 条形码研究的重要挑战，仅 2012 年就有 37 篇文献涉及 *trn*H-*psb*A 的讨论。（2）片段组合情况：随研究的不断深入，研究人员发现单一片段 DNA 条形码存在一定的局限性，提出需要多片段组合。Kress 等（2007）提出使用 *rbc*L+*trn*H-*psb*A 对陆生植物进行识别和鉴定；Chase 等（2007）提出了 *rpo*C1+*rpo*B+*mat*K 或 *rpo*C1+*mat*K+*trn*H-*psb*A 的组合；Lahaye 等（2008）和 Newmaster 等（2008）均提出了 *mat*K+*trn*H-*psb*A 的组合；而 Hollingsworth 等（2009）通过对 7 个候选 DNA 条形码的评估分析认为，三个 DNA 片段组合（*rbc*L+*trn*H-*psb*A+*mat*K，*rpo*C1+*rbc*L+*trn*H-*psb*A 和 *rpo*C1+*rbc*L+*mat*K）均能成功鉴定 57%～60% 的物种，建议 *rbc*L，*rpo*C1，*mat*K 和 *trn*H-*psb*A 间的一些组合可作为陆生植物条形码的解决方案。通过综合评价分析，CBOL 植物工作组建议将 *rbc*L+*mat*K 组合作为陆地植物的核心条形码（CBOL Plant Working Group，2009）。*rbc*L，*mat*K 和 *trn*H-*psb*A 三个条形码片段单独用于识别热带雨林木本植物的准确率分别为 62%、55% 和 74%；如果使用 *rbc*L+*mat*K 两个片段组合，准确率约为 76%；如果使用 *rbc*L+*mat*K+*trn*H-*psb*A 三个片段组合，准确率能提高至 84%（Kress 等，2009）。

在研究主题进展方面，研究较多的是陆地植物、开花植物和药用植物。2011 年和 2012 年出现最多的植物类关键词是豆科植物、蔷薇科植物和药用植物，2012 年还出现了对无开花种子植物的研究（Pang 等，2012），验证了用 ITS 可以有效区分无开花种子植物。药用植物的鉴定成为近年来相关研究的热点（51 篇），以中国研究最多（29 篇）。在药用植物领域，出现次数最多关键词的是 ITS2、*mat*K 和 *trn*H-*psb*A。ITS2 被推荐作为药用植物的通用 DNA 条形码（Chen 等，2010）。

物种识别和鉴定是植物 DNA 条形码研究的重要内容，关键词“鉴定（identification）”在文献中出现的频率最高（120 次）。除寻找高分辨率的 DNA 条码和组合片段外，其他出现频率较高的关键词是：（1）系统发育研究。如结合群落生态学进行植物群落系统发育研究（Kress 等，

2009；Gonzalez 等，2010）；（2）植物分类学。如外来入侵物种和濒危物种鉴定（Dick 和 Kress，2009），发现新种和疑难物种（Pennisi，2007；Lahaye 等，2008），如 2012 年一种来自于安第斯山云雾森林的灌木于 4 月被正式分类命名，这一发现开创了 DNA 条形码定义新植物种类的先河（Filipowicz 等，2012）；（3）植物多样性研究。如利用 DNA 条形作为植物类群物种多样性识别和检测工具（Armenise 等，2012），通过 DNA 条形码研究植物根系群落多样性（Kesanakurti 等，2011），进行某一地区植被调查（De Mattia 等，2012）等。同时，DNA 条形码研究的应用已扩展到日常生活中，加拿大圭尔夫大学使用 DNA 条形码来验证 90 多个广泛使用的植物和动物的天然保健品成分，包括升麻、绿茶和圣约翰草等（Lauren 等，2012）。

2.2 生物多样性信息平台

伴随着生物信息学及计算机科学的发展，生物多样性信息数据库建设爆发式增长。根据生物多样性信息学标准（TDWG）网站（http://www.tdwg.org/biodiv-projects/）的统计，目前有超过 679 个生物多样性信息学研究项目，62 个生物多样性信息网络数据库（截至 2012 年 9 月 10 日）。生物多样性数据和信息服务的内容不断扩展，已经覆盖了分类学、生态学、分子生物学、生物地理学和生物多样性等相关研究领域。

现有生物多样性信息平台类型多样，包括（1）物种信息数据库，如物种 2000、中国植物物种信息数据库（DCP）等；（2）标本数据库，如中国数字植物标本馆；（3）图像数据库，如牛津大学的 The Virtual Field Herbarium 项目；（4）文献信息数据库，如生物多样性遗产图书馆 BHL 等。由于生物多样性工作在国际间的交流和合作增多，综合型和跨学科的国际生物多样性平台的建设开始成为主流，全球生物多样性信息网络（GBIF）通过多样性原始数据的共享，将目前世界上现存的生物多样性数据库及信息系统整合，形成一个面向全世界用户的关于全球生物多样性的综合性信息服务系统（http://www.gbif.org/）。

此外，DNA 条形码的出现及发展，丰富了生物多样性信息学的内容，大量的生物 DNA 条形码数据平台相继建立。国际生命条形码计划（iBOL，International Barcode of Life）由加拿大科学家 Paul Hebert 等发起，于 2010 年正式启动，目标是 5 年获得至少 50 万个物种的 DNA 条形码标准序列，其中包括 10 万种陆生植物，并建立通用的实验标准和数据平台。iBOL 的主要科学成果是全球条形码（BOLD）系统（www.boldsystems.org），2012 年 iBOL 正式成为 GBIF 的参与者。生命条形码咨询委员会（Consortium Barcoding of Life，CBOL）已启动了一系列的 DNA 条形码计划，包括：鸟类 ABBI、鱼类 FISH-BOL、海洋生物 MarBOL、实蝇 TBI、蚊子 MBI、蜜蜂 Bee-BOL 等，并建立了国际植物条形码工作组（CBOL Plant Working Group），目前已进入大规模的标本收集、测序、物种鉴定等阶段。

除了这些大型数据平台，各国科学家也在探索建立自己的 DNA 条形码数据库。例如，香港大学建立药材 DNA 数据库（MMDBD），这项工作提供了一个整合的药材 DNA 条码资料库和生物信息学工具，可以进行数据存储、分析和促进药材鉴定交流（Lou 等，2010）。中国西南野生生物种质资源库建立了“中国重要生物类群 DNA 条形码数据库”（http://www.pbl.csdb.cn）。韩国基于亚洲生物多样性建立了 BioBarcode 数据库（Lim 等，2009），BioBarcode 数据库可以免费为亚洲 DNA 条码技术研究人员提供亚洲生物多样性资源。韩国生命数据库（KBOL，http://koreabarcode.org）是一个基于 Web 的数据库系统，用于编译大量的 DNA 条形码数据和鉴定未知的生物标本，用户不仅可以获取 DNA 条形码和生物信息学数据，也可以藉此平台开展资源保护工作，包括环境管理、监测和检测有机体指标。

在数据库开发方面，加拿大圭尔夫大学在 DNA 条码的研究中一直处于世界领先水平，2009 年其在 DNA 条形码数据库的基础上开发了“The DNA Barcode Linker”工具，可以用 Google 的方法来检索条形码，它提供了一个在网络上搜索序列强大和有效的解决方案，以及更快捷地访问 DNA 条码大型序列库的服务（Hajibabaei 等，2009）。

2.3 DNA 测序技术

高通量、低成本的 DNA 测序技术成为后基

因组时代的挑战之一。经过了第一代的 Sanger 测序时代，第二代以高通量测序为主，第二代测序技术与第一代 Sanger 测序法的原理都是基于边合成边测序的思想，但第二代的高通量测序技术速度快、成本低，使其在植物全基因组测序、植物转录组测序、小分子 RNA 研究等生命科学研究领域迅速得到广泛应用。目前，第三代测序技术已经出现，结合了单分子测序并继承了高通量测序的优点，其中正在研发的纳米孔单分子技术则更是在原理上做出本质变革（孙海汐和王秀杰，2009）。对于纳米孔测序技术而言，最大挑战之一是，DNA 链通过纳米孔的速度太快，以致来不及对碱基进行检测，因此目前的研究一方面尝试减缓 DNA 通过的速度，另一方面构建更快的检测设备。2010 年美国华盛顿大学物理学家领导的研究小组结合生物和纳米技术，在纳米孔内对 DNA 进行快速测序，研制出 DNA 阅读器。这种纳米微孔只有 1 个纳米大小，仅够用来测量一个 DNA 的单分子链（Butler 等，2008；Derrington 等，2010）。为了能获得可行的、易于操控的测序平台，该研究小组提高了蛋白纳米孔的效用，最新报道了第三代 DNA 测序技术新机制，即纳米孔检测核酸碱基数增加至 20 ~ 30 个（Manrao 等，2012），这使纳米孔测序的研究更进一步。纳米级别的孔径保证了检测具有良好的持续性，所以测序的准确度非常高。使用纳米孔测序法进行检测，使得便宜、快速地进行 DNA 测序成为可能。

2.4　移动识别设备

在早期的 DNA 条形码研究中开始出现了便携式装置设想（Janzen，2004），但目前还没有文献报道成功实现 DNA 条形码的移动识别设备。加拿大圭尔夫大学一直是手持设备构想的有力推动者，并致力于手持识别设备的开发，在发表的很多文章中都探讨了手持识别设备开发的实现，如提出组织片段插入到扫描仪后，用户会收到一个即时的现场鉴定动物或植物的设想（Singer 和 Hajibabaei，2009），考虑简化分析链以助于发展手持式条形码设备（Ivanova，2009）等。圭尔夫大学主导的 iBOL 项目中一个主要的研究核心就是联合相关信息技术专家尝试研发出便携式的 DNA 条形码移动识别设备，可以直接链接到 BOLD 数据库。

2012 年美国加州的沿海海洋生物实验室发布了第一款 iPhone 应用程序“DNA 条形码助理”（http://www.dnabarcodingassistant.org/）。“DNA 条形码助理”是一个新的移动技术应用程序，提供了一个直观的界面，可从国际生命条码（iBOLD）项目获取元数据。通过唯一标识符和编译记录，使用户能够获取分类标识、数码影像、地理空间数据以及物种详细信息。标本记录可以导出到 iPhone 或很容易导入到 Excel 电子表格。

除 DNA 条形码外，图像识别也是移动识别设备的关键技术热点。美国史密森研究院、哥伦比亚大学和马里兰大学开发了世界上第一个植物识别的移动应用程序—Leafsnap（Belhumeur，2008）。Leafsnap 通过计算机视觉图像技术将叶片图像与数据库进行对比，用户可以快速比较与提供照片的标本是否属于同一物种，并由此建立了 Leafsnap 系统，与 iPhone 等相结合，实现手持设备的应用。虽然该移动设备不是使用 DNA 数据，但是通过图像对比，得到结果的正确率也达到 80% 以上。DNA 数据远程获取和图像识别都是对移动识别设备的一种尝试，对于真正实现移动识别设备来说，必要的技术还有待开发，未来所面临的挑战在于如何整合这些技术并降低成本。

2.5　整合性研究

2.5.1　基础信息数字化整合利用　物种及其地理分布是生物多样性基础数据。植物志作为一种记载物种信息及其地理分布的传统载体，随着网络化时代的到来也在逐渐发生转变。最先受到网络化影响的就是电子化植物志的出现。2006 年就有文章报道通过 *Flora of China* 计划实现了 eFloras（http://www.efloras.org/）的开发，通过访问网上的电子植物志，用户可以在线浏览植物区系的信息，并可以按名称搜索，不过，植物志数字化开始的时间远比文献报道早得多。2012 年“国际生物多样性公约”第十届缔约国大会一致通过的最新的《全球植物保护战略（2011–2020）》（GSPC），提出希望全世界植物研究机构共同合作，力争在 2020 年完成“世界全部已知植物的在线植物志”（online flora of all known plants）。这一构想将植物志的数字化和整合推向一个新高峰。

此外，很多网站已经开始提供物种编目信息的数字化，比较早期的是邱园索引（Index Kewensis）、国际植物学名索引（International Plant Name Index，IPNI）、分类学信息系统（Integrated Taxonomic Information System，ITIS）等。其中最有影响力的是物种2000，主要建立了一个包含全球主要生物类群的物种工作名录，提供免费下载和使用。全球生物多样性信息学组织GBIF也发起了全球分类名称架构（Global Name Architecture，GNA）项目，力图建立一个多层次的名称数据体系，联合多个信息源，整合全球分类名称信息，从而促进生物多样性研究和利用。

2.5.2 *跨领域研究计划* 计算机技术、网络基础设施与现代植物学研究的结合是未来植物科学的发展趋势。目前在这方面的相关计划和研究数量还不多。2008年美国国家科学基金（NSF）资助开发的探索物种起源的iPlant计划，研究大型网络基础设施与植物科学研究的结合，创造了一个大型的网络协作平台。该项目是基于网络基础设施的合作，不仅是对纯粹的网络基础设施的利用，还涉及协同研发平台的构建。生物学家、计算机信息科学家和工程师通过这个平台，利用科学计算和网络基础设施共同来解决生命科学上的重大问题。该项目优先的目标是建设"大规模"系统进化树，了解植物物种关系、基因家族的演化，解决分类学问题等。目前已取得了一些重要进展，如使用系统进化树讨论几个大的被子植物类群的多样性（Smith，2011）；同时还开发了"Discovery environment"工具，集成了现有的生物信息学工具，可以在远程高性能计算资源上无缝运行。其中"生命之树（Tree of life）"可视化工具创新了系统进化树的展现方式，能够帮助科研人员跟踪基因组序列，研究植物迁移、适应气候变化的方式等。这项跨领域的合作汇集了植物学、生物信息学、计算科学和高性能计算的优势，极大地促进了植物学研究领域的创新发展。

3 结语

综上所述，通过相关分析表明：（1）植物DNA条形码作为iFlora的组成要素之一，其研究对象以及研究领域在不断延伸和扩展。目前寻找高鉴定分辨率的DNA条码和组合片段仍是研究热点。同时，国际上的研究者们开始将选定的条形码应用于生命科学多个研究领域，并逐步建立完整的条形码数据库以及开发各种应用工具；（2）生物多样性信息数据库建设爆发式增长，综合型和跨学科的国际性生物多样性平台开始出现，大量的生物DNA条形码数据平台相继建立，提供了海量的生物信息学数据和知识；（3）分子测序已进入第三代测序技术时代，纳米孔测序法的研究进展，使得精确、快速地进行DNA测序成为可能；（4）目前还未能真正实现DNA条形码的便携式移动设备，但一些基于不同理念的初级植物物种识别设备已经出现，相关技术在不断完善和发展中；（5）电子植物志，以及未来GSPC和GNA构想的实施，意味着整合的、数字化的、基于网络的植物志时代已经到来；而随着更多像iPlant这样的跨领域计划出现，信息技术与植物科学研究的结合，不同学科和领域之间的合作，将成为植物科学的一个发展趋势。

可以预见，随着未来植物DNA条形码技术的发展，植物DNA条形码标准数据库的不断扩充和完善都将为iFlora的实施提供丰富的数据资源和技术条件；相关研究对物种准确快速鉴定，植物多样性信息的快速获取和使用的需求也将催生和促进iFlora的出现和发展；大量的生物多样性数据平台为iFlora提供了生物多样性和遗传信息的海量数据，以及不同类型资源整合利用的机会；由于纳米孔测序技术的出现，DNA测序已进入更便宜、更方便快捷的时代，而与移动设备相关的技术不断进步和深入探索，使iFlora这种创新地利用DNA数据来获取植物信息的方式成为可能；基础数据的数字化、整合化利用，以及大型网络基础设施与植物科学研究的结合，意味着未来跨资源、跨学科、跨领域的iFlora协同研发平台将成为植物学相关研究发展的必然趋势。在现代植物学与信息技术、计算机科学不断融合，生物多样性数据平台间合作不断加深的过程中，形成不同学科工作者可以共同参与、整合多方资源和数据，并可以在多个领域上开展协同合作的开放的iFlora智能认知系统。

〔参 考 文 献〕

Armenise L, Simeone MC, Piredda R *et al.*, 2012. Validation of DNA barcoding as an efficient tool for taxon identification and detection of species diversity in Italian conifer [J]. *European Journal of Forest Research*, **131** (5): 1337—1353

Bafeel SO, Arif IA, Bakir MA *et al.*, 2012. DNA barcoding of arid wild plants using rbcL gene sequences [J]. *Genetics and Molecular Research* , **2** (6): e508

Belhumeur PN, Chen DZ, Feiner S *et al.*, 2008. Searching the world's herbaria: A system for visual identification of plant species [J]. *Computer Vision-ECCV 2008*, *Part IV*, *Proceedings*, **5305**: 116—129

Butler TZ, Pavlenok, M Derrington IM *et al.*, 2008. Single-molecule DNA detection with an engineered MspA protein nanopore [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **105** (52): 20647—20652

CBOL Plant Working Group, 2009. A DNA barcode for land plants [J]. *Proceedings National Academy of Sciences of the United States of America*, **106**: 12794—12797

Chase MW, Salamin N, Wilkinson M *et al.*, 2005. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*: *Biological Sciences*, **360** (1462): 1889—1895

Chase MW, Cowan RS, Hollingsworth PM *et al.*, 2007. A proposal for a standardised protocol to barcode all land plants [J]. *Taxon*, **56** (2): 295—299

Chen SL, Yao H, Han JP *et al.*, 2010. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species [J]. *PloS One*, **5** (1): e8613

Crawley SS, Hilu KW, 2012. Caryophyllales: Evaluating phylogenetic signal in *trn*K intron versus *mat*K [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **50** (5): 387—410

Derrington IM, Butler TZ, Collins MD *et al.*, 2010. Nanopore DNA sequencing with MspA [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **107** (37): 16060—16065

De Mattia F, Gentili R, Bruni I *et al.*, 2012. A multi-marker DNA barcoding approach to save time and resources in vegetation surveys [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, **169** (3): 518—529

Dick CW, Kress WJ, 2009. Dissecting tropical plant diversity with forest plots and a molecular toolkit [J]. *Bioscience*, **59** (9): 745—755

Fazekas AJ, Burgess KS, Kesanakurti PR *et al.*, 2008. Multiple multi locus DNA barcodes from the plastid genome discriminate plant species equally well [J]. *PloS One*, **3** (7): e2802

Filipowicz N, Nee MH, Renner SS, 2012. Description and molecular diagnosis of a new species of *Brunfelsia* (Solanaceae) from the Bolivian and Argentinean Andes [J]. *PhytoKeys*, **10**: 83—94

Gonzalez MA, Roger A, Courtois EA *et al.*, 2010. Shifts in species and phylogenetic diversity between sapling and tree communities indicate negative density dependence in a lowland rain forest [J]. *Journal of Ecology*, **98** (1): 137—146

Hajibabaei M, Singer GAC, 2009. Googling DNA sequences on the world wide web [J]. *BMC Bioinformatics*, **10**: S4

Han JP, Shi LC, Chen XC *et al.*, 2012. Comparison of four DNA barcodes in identifying certain medicinal plants of Lamiaceae [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **50** (3): 227—234

Hollingsworth ML, Clark AA, Forrest LL *et al.*, 2009. Selecting barcoding loci for plants: Evaluation of seven candidate loci with species-level sampling in three divergent groups of land plants [J]. *Molecular Ecology Resources*, **9** (2): 439—457

Hollingsworth PM, Graham SW, Little DP, 2011. Choosing and using a plant DNA barcode [J]. *PLoS One*, **6**: e19254

Ivanova NV, Borisenko AV, Hebert PDN, 2009. Express barcodes: racing from specimen to identification [J]. *Molecular Ecology Resources*, **9** (Suppl. 1): 35—41

Janzen DH, 2004. Now is the time [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*: *Biological Sciences*, **359**: 731—732

Kesanakurti PR, Fazekas AJ, Burgess KS *et al.*, 2011. Spatial patterns of plant diversity below-ground as revealed by DNA barcoding [J]. *Molecular Ecology*, **20** (6): 1289—1302

Kress WJ, Erickson DL, 2007. A two- locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbc*L gene complements the non- coding *trn*H-*psb*A spacer region [J]. *PLoS One*, **2** (6): e508

Kress WJ, Erickson DL, Jones FA *et al.*, 2009. Plant DNA barcodes and a community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **106** (44): 18621—18626

Kress WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA *et al.*, 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **102** (23): 8369—8374

Lahaye R, Vander Bank M, Bogarin D *et al.*, 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **105** (8): 2923—2928

Lauren JW, Stephanie MALB, Shannon HCE *et al.*, 2012. DNA barcodes for everyday life: Routine authentication of natural health products [J]. *Food Research International*, **49** (1): 446—452

Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, 2011. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporinto the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **108** (49): 19641—19646

Li DZ (李德铢), Wang YH (王雨华), Yi TS (伊廷双) *et al.*, 2012. The next-generation Flora: iFlora [J]. *Plant Diversity and Resources*, **34** (6): 525—531

Li Y, Gao LM, Poudel RC *et al*., 2011b. High universality of matK primers for barcoding gymnosperms [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **49**: 169—175

Lim J Kim, SY KimS, Kim S *et al*., 2009. BioBarcode: a general DNA barcoding database and server platform for Asian biodiversity resources [J]. *Bmc Genomics*, **10**: S8

Liu L, Zhao B, Tan DY *et al*., 2012. Phylogenetic relationships of Brassicaceae species based on mark swquences [J]. *Pakistan Journal of Botany*, **44** (2): 619—626

Liu ZH, Zeng X, Yang D *et al*., 2012. Applying DNA barcodes for identification of plant species in the family Araliaceae [J]. *Gene*, **499** (1): 76—80

Lou SK, Wong KL, Li M *et al*., 2010. An integrated web medicinal materials DNA database: MMDBD (Medicinal Materials DNA Barcode Database) [J]. *Bmc Genomics*, **11**: 402

Manrao EA, Derrington IM, Laszlo AH *et al*., 2012. Reading DNA at single-nucleotide resolution with amutant MspA nanopore and phi29 DNA polymerase [J]. *Nature Biotechnology*, **30** (4): 349—U174

Moed HF, 2002. Measuring China's research performance using the science citation index [J]. *Scientometrics*, **53** (3): 281—296

Newmaster SG, Fazekas AJ, Steeves RAD *et al*., 2008. Testing candidate plant barcode regions in the Myristicaceae [J]. *Molecular Ecology Resources*, **8**: 480—490

Pang X, Luo H, Sun C, 2012. Assessing the potential of candidate DNA barcodes for identifying non-flowering seed plants [J]. *Plant Biology*, **14** (5): 839—844

Pennisi E, 2007. Wanted: A barcode for plants [J]. *Science*, **31** (8): 190—191

Shaw J, Lickey EB, Beck JT *et al*., 2005. The tortoise and the hare. II. Relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis [J]. *American Journal of Botany*, **92**: 142—166

Singer GAC, Hajibabaei M, 2009. iBarcode. org: web-based molecular biodiversity analysis [J]. *BMC Bioinformatics*, **10**: S14

Smith SA, Beaulieu JM, Stamatakis A, 2011. Understanding angiosperm diversification using small and large phylogenetic trees [J]. *American Journal of Botany*, **98** (3): 404—414

Sun HX (孙海汐), Wang XJ (王秀杰), 2009. The development and future perspectives of DNA sequencing technology [J]. *E-Science Technology & Application* (科研信息化技术与应用), **6**: 19—29

Tang JY (唐建阳), Zhou XZ (周先治), 2009. Progress and outstanding of DNA barcoding in plant [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin* (中国农学通报), **25** (24): 35—43

Wang H, Yao L, Cai R *et al*., 2012. Genetic relationship analyses of oil-bearing roses in China using *mat*K sequences [J]. *Scientia Horticulturae*, **137**: 121—124

Yao H, Song JY, Liu C *et al*., 2010. Use of ITS2 region as the universal DNA barcode for plants and animals [J]. *PLoS One*, **5**: 370—375

Yu J, Xue JH, Zhou SL, 2011. New universal *mat*K primers for DNA barcoding angiosperms [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **49** (3): 176—18